



(51) 国際特許分類6 C12N 15/00	A1	(11) 国際公開番号 WO97/35963 (43) 国際公開日 1997年10月2日(02.10.97)
<p>(21) 国際出願番号 PCT/JP97/00982</p> <p>(22) 国際出願日 1997年3月24日(24.03.97)</p> <p>(30) 優先権データ 特願平8/72914 1996年3月27日(27.03.96) JP</p> <p>(71) 出願人 (米国を除くすべての指定国について) 大日本製薬株式会社 (DAINIPPON PHARMACEUTICAL CO., LTD.)(JP/JP) 〒541 大阪府大阪市中央区道修町2丁目6番8号 Osaka, (JP)</p> <p>(72) 発明者; および</p> <p>(75) 発明者/出願人 (米国についてののみ) 野村明德(NOMURA, Akinori)(JP/JP) 〒651-12 兵庫県神戸市北区花山東町1番3-402 Hyogo, (JP) 川島 和(KAWASHIMA, Hitoshi)(JP/JP) 〒534 大阪府大阪市都島区友割町1丁目5番10-708 Osaka, (JP) 矢野かおり(YANO, Kaori)(JP/JP) 〒560 大阪府豊中市東泉丘1丁目30番2-509 Osaka, (JP) 藤井香織(FUJII, Kaori)(JP/JP) 〒532 大阪府大阪市淀川区宮原1丁目17番26-905号 Osaka, (JP)</p>		<p>古谷泰治(FURUTANI, Yasuji)(JP/JP) 〒655 兵庫県神戸市垂水区五色山8丁目3番43-601号 Hyogo, (JP)</p> <p>(74) 代理人 弁理士 高島 一(TAKASHIMA, Hajime) 〒541 大阪府大阪市中央区平野町三丁目3番9号 (湯木ビル) Osaka, (JP)</p> <p>(81) 指定国 AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, CA, CH, CN, CU, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, GB, GE, GH, HU, IL, IS, JP, KE, KG, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MD, MG, MK, MN, MW, MX, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, TJ, TM, TR, TT, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ARIPO特許 (GH, KE, LS, MW, SD, SZ, UG), ユーラシア特許 (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), 欧州特許 (AT, BE, CH, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE), OAPI特許 (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, ML, MR, NE, SN, TD, TG).</p> <p>添付公開書類 国際調査報告書</p>
<p>(54)Title: NOVEL BETA-2 ADRENERGIC RECEPTOR SUBTYPE AND USE THEREOF</p> <p>(54)発明の名称 新規β₂-アドレナリン受容体サブタイプおよびその用途</p> <p>(57) Abstract A novel beta-2 adrenergic receptor subtype; a DNA coding for the same; a recombinant vector having said DNA; a host cell transformed by said vector; a process for producing said beta-2 adrenergic receptor subtype by culturing said host cell; a method and kit for screening agonists and/or antagonists of said beta-2 adrenergic receptor subtype; and a method of assaying the expression of said beta-2 adrenergic receptor subtype in the cells or tissues. The method of screening agonists of the novel beta-2 adrenergic receptor subtype is useful for the development of remedies for a certain type of asthmatic disease. Recombinant animals genetically engineered with the DNA coding for the beta-2 adrenergic receptor subtype provide useful means for studying the relationship between beta-2 adrenergic receptors and asthmatic diseases.</p>		

(57) 要約

新規 β_2 -アドレナリン受容体サブタイプ、それをコードするDNA、該DNAを有する組換えベクター、該組換えベクターで形質転換された宿主細胞、該宿主細胞の培養による当該 β_2 -アドレナリン受容体サブタイプの製法、当該 β_2 -アドレナリン受容体サブタイプのアゴニストおよび／またはアンタゴニストのスクリーニング法およびそのためのキット、細胞または組織での当該 β_2 -アドレナリン受容体サブタイプの発現の検定法。

本発明の新規 β_2 -アドレナリン受容体サブタイプのアゴニストのスクリーニング法は、ある種の喘息疾患のための治療剤の開発に有用である。また、当該 β_2 -アドレナリン受容体サブタイプのDNAを用いて遺伝子操作した組換え動物は、 β_2 -アドレナリン受容体と喘息疾患との関連の研究のための有効な手段を提供する。

情報としての用途のみ

PCTに基づいて公開される国際出願をパンフレット第一頁にPCT加盟国を特定するために使用されるコード

AL	アルバニア	EE	エストニア	LR	リベリア	RU	ロシア連邦
AM	アルメニア	ES	スペイン	LS	レソト	SD	スーダン
AT	オーストリア	FI	フィンランド	LT	リトアニア	SE	スウェーデン
AU	オーストラリア	FR	フランス	LU	ルクセンブルグ	SG	シンガポール
AZ	アゼルバイジャン	GB	イギリス	LV	ラトヴィア	SI	スロベニア共和国
BB	バルバドス	GE	グルジア	MC	モナコ	SK	スロバキア共和国
BE	ベルギー	GH	ガーナ	MD	モルドバ	SN	セネガル
BG	ブルガリア	GR	ギリシャ	MG	マダガスカル	SZ	スワジランド
BJ	ベナン	GU	グアテマラ	MK	マケドニア	TD	チャド
BR	ブラジル	HN	ホンジュラス	ML	マリ	TG	トーゴ
BY	ベラルーシ	IE	アイルランド	MN	モンゴル	TM	トルクメニスタン
CA	カナダ	IT	イタリア	MR	モーリタニア	TR	トルコ
CF	中央アフリカ共和国	JP	日本	MW	マラウイ	TT	トリニダード・トバゴ
CG	コンゴ	KE	ケニア	MX	メキシコ	UA	ウクライナ
CH	スイス	KR	朝鮮民主主義人民共和国	NE	ニジェール	UG	ウガンダ
CI	コートジボワール	KZ	カザフスタン	NL	オランダ	US	米国
CN	中国	LI	リベリア	NO	ノルウェー	UZ	ウズベキスタン共和国
CZ	チェコ共和国	LT	リトアニア	NZ	ニュージーランド	VN	ベトナム
DE	ドイツ	LV	ラトヴィア	PL	ポーランド	YU	ユーゴスラビア
DK	デンマーク	LU	ルクセンブルグ	PT	ポルトガル		
		LI	リベリア	RO	ルーマニア		

明細書

新規 β_2 -アドレナリン受容体サブタイプおよびその用途

技術分野

本発明は、新規 β_2 -アドレナリン受容体サブタイプ、それをコードする DNA、該 DNA を含む組み換えベクターおよび該組み換えベクターにより形質転換された宿主細胞、並びにそれらの用途に関する。

発明の背景

ヒト β アドレナリン受容体には、現在 β_1 、 β_2 および β_3 の 3 種のサブタイプの存在が知られている。これらのうち、 β_2 -アドレナリン受容体（以下、 β_2 -AR と略称する）は主に気管、子宮および血管の平滑筋に存在し、筋弛緩作用を有する。このため、 β_2 -AR 作動薬は気管支喘息の治療剤として使用されている。また、筋収縮性および筋弛緩性アドレナリン受容体のインバランスが気管支喘息の病因の 1 つではないかとの仮説が提出されている。

一方、ヒト β_2 -AR の cDNA は既にクローニングされており、その塩基配列およびタンパク質のアミノ酸配列も決定されている [Kobilka ら, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 84: 46-50 (1987); 配列表配列番号 3]。最近、喘息患者と健常者の β_2 -AR の DNA 解析により、該遺伝子の多型（ポリモルフィズム）と喘息疾患との因果関係が調べられ、喘息患者に限らず健常者にも高頻度に β_2 -AR の多型が見られることが明らかとなった [Reihnsaus ら, *Am. J. Respir. Cell Mol. Biol.*, 8: 334-339 (1993)]。しかしながら、既知の β_2 -AR 遺伝子またはその多型とは別個の β_2 -AR サブタイプ遺伝子の存在およびその発現については全く未知であった。

発明の開示

本発明の目的は、既知のヒト β_2 -AR とは異なるアミノ酸配列を有する新規 β_2 -AR サブタイプを提供することである。また本発明の別の目的は、該新規 β_2 -AR サブタイプもしくはそれを発現する形質転換細胞を用いた該 β_2 -AR サブタイプのアゴニストおよび／またはアンタゴニストのスクリーニング法並びにそのた

めのキットを提供することである。本発明のさらに別の目的は、該新規 β_2 -ARサブタイプ遺伝子の一部または全部を検出することによる該 β_2 -ARサブタイプの発現の検定法を提供することである。

本発明者らは、上記の目的を達成すべく鋭意研究を重ねた結果、ヒト類表皮癌細胞A431細胞株〔大日本製薬（株）製、カタログ番号：09-1555；以下、単にA431細胞と略称する〕およびヒト心臓組織において、既知の β_2 -AR mRNAの他に、既知の β_2 -ARと相同性は高いが明らかに異なる新規mRNAが発現していることを初めて見出し、さらに、そのcDNAをクローニングして塩基配列およびそれがコードするタンパク質のアミノ酸配列を決定した。本発明者らは、さらに、該新規cDNAにコードされるタンパク質が β_2 -ARの生理機能を有することを見出し、該タンパク質を新規 β_2 -ARサブタイプであると同定した。また、新規 β_2 -ARサブタイプcDNAを含有する組換えベクターで形質転換した動物細胞を用いた、当該 β_2 -ARサブタイプのアゴニストおよび／またはアンタゴニストのスクリーニング法を確立した。さらに、該新規 β_2 -ARサブタイプmRNAの一部をRT-PCR法にて増幅し、得られたcDNA断片を検出することによる当該 β_2 -ARサブタイプの発現の検定法を開発して本発明を完成するに至った。

即ち、本発明は以下に述べるものである。

(1) [125 I]シアノピンドロールに対するK_d値が約75 pMであり、且つ、実質的に配列表配列番号1に示されるアミノ酸配列を有する新規 β_2 -ARサブタイプ、特にヒト由来である新規 β_2 -ARサブタイプ、就中A431細胞またはヒト心臓で発現する新規 β_2 -ARサブタイプ。

(2) 上記 β_2 -ARをコードする塩基配列を有するDNA、好ましくは配列表配列番号2に示される塩基配列中、少なくとも塩基番号101乃至1345で示される塩基配列を有する上記DNA。

(3) 上記DNAを含有する組換えベクターおよび該組換えベクターで形質転換された宿主細胞、特に動物細胞、就中チャイニーズ・ハムスター卵巣（CHO）

細胞。

(4) 上記形質転換細胞を培養して得られる培養物から新規 β_2 -ARサブタイプを採取することを特徴とする上記新規 β_2 -ARサブタイプの製造方法。

(5) 上記新規 β_2 -ARサブタイプを用いた当該受容体のアゴニストおよび／またはアンタゴニストのスクリーニング法、特に該新規 β_2 -ARが上記形質転換細胞の形態で用いられる上記スクリーニング法。

(6) 上記新規 β_2 -ARサブタイプを含む当該受容体のアゴニストおよび／またはアンタゴニストのスクリーニング用キット、特に該新規 β_2 -ARサブタイプが上記形質転換細胞の形態で用いられる上記スクリーニング用キット。また、さらに標識リガンドを含む試薬およびcAMP定量用試薬を含む上記スクリーニング用キット。

(7) 上記新規 β_2 -ARサブタイプのDNAの一部または全部を検出することを特徴とする当該新規 β_2 -ARサブタイプの発現の検定法。

図面の簡単な説明

図1は、A431細胞由来の全RNAからの新規ヒト β_2 -ARサブタイプのcDNAクローン化の工程を表す図である。

図2は、A431細胞由来の新規ヒト β_2 -ARサブタイプcDNAの塩基配列(5'末端より700塩基まで)および当該 β_2 -ARサブタイプのアミノ酸配列(1~200位のアミノ酸)を示す図である。塩基配列の上段に、既知のヒト β_2 -ARサブタイプcDNAの塩基配列の中で新規ヒト β_2 -ARサブタイプcDNAの塩基配列とは異なる塩基を、アミノ酸配列の下段に、既知のヒト β_2 -ARサブタイプのアミノ酸配列の中で新規ヒト β_2 -ARサブタイプのアミノ酸配列とは異なるアミノ酸をそれぞれ示している。

図3は、A431細胞由来の新規ヒト β_2 -ARサブタイプcDNAの塩基配列(701番目の塩基から3'末端まで)および当該 β_2 -ARサブタイプのアミノ酸配列(201~415位のアミノ酸)を示す図である。塩基配列の上段に、既知のヒト β_2 -ARサブタイプcDNAの塩基配列の中で新規ヒト β_2 -ARサブタ

イプ cDNA の塩基配列とは異なる塩基を、アミノ酸配列の下段に、既知のヒト β_2 -AR サブタイプのアミノ酸配列の中で新規ヒト β_2 -AR サブタイプとは異なるアミノ酸をそれぞれ示している。また、「...」印の部分は対応する塩基が存在しないことを意味する。

図 4 は、動物細胞用発現ベクター pKCN1 の構築図である。

図 5 は、A431 細胞由来の新規ヒト β_2 -AR サブタイプ cDNA を含有する動物細胞用発現プラスミド pKREX20 の構築図である。

図 6 は、CHO/pKREX20 細胞で発現する A431 細胞由来の新規ヒト β_2 -AR サブタイプに対するリガンド結合試験の結果を示すグラフである。

図 7 は、CHO/pKREX20 細胞で発現する A431 細胞由来の新規ヒト β_2 -AR サブタイプに対するリガンド結合試験の結果に基づくスキッチャードプロットである。

図 8 は、A431 細胞由来の新規ヒト β_2 -AR サブタイプを発現する CHO/pKREX20 細胞における cAMP 蓄積試験の結果を示すグラフである。

図 9 は、A431 細胞およびヒト心臓組織における新規ヒト β_2 -AR サブタイプの発現を示す電気泳動像 (a) および RT-PCR により増幅される領域の制限酵素地図 (b) である。

発明の簡単な説明

本発明の新規 β_2 -AR サブタイプは、 $[^{125}\text{I}]$ シアノピンドロールに対する K_d 値が約 75 pM であり、且つ、実質的に配列表配列番号 1 に示されるアミノ酸配列を有する。かかるアミノ酸配列は、該 β_2 -AR サブタイプの立体構造や上記理化学的性質を変化させない限り特に限定されず、アミノ酸配列の一部に少なくとも 1 アミノ酸の置換、欠失、挿入または付加を有していてもよい。

本発明の新規 β_2 -AR サブタイプの $[^{125}\text{I}]$ シアノピンドロールに対する K_d 値とは、当該 β_2 -AR サブタイプを発現する形質転換チャイニーズ・ハムスター卵巣 (CHO) 細胞を用いた受容体結合試験より導かれる当該サブタイプと $[^{125}\text{I}]$ シアノピンドロールとの結合の解離定数である。

本発明の新規 β_2 -AR サブタイプの由来は、動物細胞または動物組織であれば特に限定されないが、好ましくは哺乳動物細胞または哺乳動物組織、より好ましくはヒト培養細胞またはヒト組織である。培養細胞としては類表皮癌細胞株 A 4 3 1 細胞等が、組織としては心臓または大脳皮質組織等が例示される。

本発明の新規 β_2 -AR サブタイプは動物組織または動物細胞を原料として抽出精製する方法、化学的に合成する方法または遺伝子組み換え技術等公知手法を適宜用いることによって製造することができる。好ましくは、該タンパク質をコードする DNA を、ヒト培養細胞またはヒト組織の RNA もしくは DNA より既知 β_2 -AR の cDNA 部分配列をプライマーとして PCR 法により、或いは該 cDNA の一部または全部をプローブとしてコロニーハイブリダイゼーションまたはブランクハイブリダイゼーションによりクローニングし、次いでクローニングした DNA を含有する組換えベクターで形質転換された宿主細胞を培養することによって該新規タンパク質を採取する方法が例示される。

本発明の DNA は、本発明の新規 β_2 -AR サブタイプのアミノ酸配列をコードする塩基配列を有する DNA であれば特に限定されないが、好ましくは、配列表配列番号 1 に示されるアミノ酸配列をコードする塩基配列を有する DNA、より好ましくは、配列表配列番号 2 に示される塩基配列中、少なくとも塩基番号 101 乃至 1345 で示される塩基配列を有する DNA である。

本発明の DNA はいかなる方法で得られるものであってもよい。例えば、mRNA から調製される相補 DNA (cDNA)、ゲノミックライブラリーから調製されるゲノミック DNA、化学的に合成される DNA、RNA または DNA を鋳型として PCR 法により増幅させて得られる DNA およびこれらの方法を適当に組み合わせて構築される DNA をも全て包含するものである。

一例として、新規 β_2 -AR サブタイプを発現する細胞または組織由来の RNA から RT-PCR 法を用いて該新規サブタイプの cDNA をクローン化する、以下の方法が挙げられる。

まず、新規 β_2 -AR サブタイプを発現する細胞または組織、好ましくはヒト培

養細胞またはヒト組織、就中A431細胞またはヒト心臓組織より、例えば、グアニジンチオシアネート法、熱フェノール法、酸グアニジン-フェノール-クロロホルム (AGPC) 法等の公知の方法を用いて全RNAを抽出する。得られる全RNAをそのままRT-PCRに供しても、また、さらにオリゴ(dT)セルロースやポリU-セファロース等によるアフィニティクロマトグラフィーを行って、ポリ(A) RNAを精製してもよい。

次いで、得られたRNAを鋳型として逆転写酵素を用いる公知の方法で一本鎖cDNAを合成した後、既知のヒト β_2 -AR cDNAの一部と相同な配列を有するオリゴヌクレオチドをプライマーとしてPCR反応を行うことにより、目的の新規 β_2 -ARサブタイプ二本鎖cDNAが得られる。プライマーとして用いる既知のヒト β_2 -AR cDNAの領域は特に限定されないが、1回の操作で新規 β_2 -ARサブタイプの全コード領域を増幅させるためには、5' および3' 非翻訳領域の一部をそれぞれセンスおよびアンチセンスプライマーとして用いることが望ましい。またクローニングベクターへの挿入のための制限酵素部位を付加したプライマーを用いることもできる。

増幅された新規 β_2 -ARサブタイプcDNA断片は、ゲル電気泳動により分離した後、当該断片を含むゲル部分を切り出し、カラム等により精製する。これを必要に応じて適当な制限酵素で処理、またはリンカーDNAを連結して、適当なクローニングベクター中に挿入する。クローニングベクターは特に限定されないが、例えばpBR322、pUC119、pBluescript等が挙げられる。

このようにしてクローン化された新規 β_2 -ARサブタイプDNAの塩基配列は公知のマキサム・ギルバート法やジデオキシターミネーション法によって決定することができる。

本発明の組換えベクターは、原核細胞および／または真核細胞の各種の宿主内で複製保持または自律増殖できるものであれば特に限定されず、プラスミドベクターおよびファージベクター等が包含される。

当該組換えベクターは、簡便には当分野において入手可能な発現ベクターに本発明の新規 β_2 -AR サブタイプをコードする DNA を常法により機能的に連結することによって調製することができる。用いる発現ベクターとしては、原核細胞および／または真核細胞の各種の宿主内で機能して当該 β_2 -AR サブタイプを発現し得るものであれば特に制限されないが、形質転換体選択のための選択マーカー遺伝子を含むことが好ましい。例えば哺乳動物細胞を形質転換する場合、動物ウイルス、例えば SV40、RSV、MMLV 等のプロモーターおよびポリアデニル化シグナルが 1 種以上のユニークな制限酵素認識部位、好ましくはマルチクローニング部位を介して連結されたプラスミド、例えば pKCRH2 等の適当な部位に、pSV2-neo、pSV2-dhfr 等のプラスミド由来の選択マーカー遺伝子（ネオマイシン耐性遺伝子、ジヒドロ葉酸還元酵素等）が挿入されたプラスミドを使用することができる。

本発明の形質転換細胞は、新規 β_2 -AR サブタイプをコードする DNA を含有する上述の発現ベクターを、適当な宿主細胞に導入することにより調製することができる。宿主細胞は、使用する発現ベクターに適合し、形質転換され得るものであれば特に制限されず、当該技術分野において通常使用される天然に存在する細胞或いは人工的に作製された組換え細胞など種々の細胞が利用できるが、内因性 β_2 -AR 遺伝子を有しないか、もしくは該遺伝子を有していても発現しない細胞がより好ましい。具体的には、大腸菌、枯草菌等の細菌、酵母等の真菌類、動物細胞または昆虫細胞等が例示される。好ましくは哺乳動物細胞、特にハムスター由来細胞（CHO、BHK 等）、マウス由来細胞（COP、L、C127、Sp2/0、NS-1、NIH3T3 等）、ラット由来細胞、サル由来細胞（COS1、COS3、COS7、CV1、Velo 等）およびヒト由来細胞（HeLa、2 倍体線維芽細胞由来細胞、ミエローマ細胞、Namalwa 等）が挙げられる。

発現ベクターの宿主細胞への導入は、従来公知の方法を用いて行うことができる。例えば、哺乳動物細胞へ導入する場合、リン酸カルシウム共沈殿法、プロト

プラスト融合法、マイクロインジェクション法、エレクトロポレーション法、リポソーム法等が挙げられる。

本発明の新規 β_2 -ARサブタイプは、上記のごとく調製される発現ベクターを含む形質転換細胞を培養することによって製造することができる。培地は、宿主細胞（形質転換体）の生育に必要な炭素源、無機もしくは有機窒素源を含んでいることが好ましい。炭素源としては、例えばグルコース、デキストラン、可溶性デンプン、ショ糖等が、窒素源としては、例えばアンモニウム塩、硝酸塩、アミノ酸、コーンスチープ・リカー、ペプトン、カゼイン、肉エキス、大豆粕、馬鈴薯抽出液等が例示される。また、所望により他の栄養素（例えば、無機塩（塩化カルシウム、リン酸二水素ナトリウム、塩化マグネシウム等）、ビタミン類、抗生物質（テトラサイクリン、ネオマイシン、カナマイシン、アンピシリン）を含んでいてもよい。

培養は当分野において知られている方法により行われる。培養条件、例えば温度、培地のpHおよび培養時間は、 β_2 -ARサブタイプタンパク質が大量に生産されるように適宜選択される。

例えば、宿主が動物細胞である場合、培地として例えば約5～20%のウシ胎児血清（FCS）を含む最少必須培地（MEM）、ダルベッコ改変最少必須培地（DMEM）、RPMI-1640培地、199培地等を用いることができる。培地のpHは約6～8であることが好ましく、培養は通常30～40℃で約15～72時間行われ、必要により通気や攪拌を行うこともできる。

本発明の新規 β_2 -ARサブタイプは、宿主細胞の原形質膜上に膜貫通タンパク質として存在する。したがって、該タンパク質は上記のごとく培養して得られる培養物から以下の方法により取得される。

まず培養物を濾過または遠心分離等の常法に付して細胞を回収し、適当な緩衝液中に懸濁して、さらに界面活性剤を適当な濃度で加えて膜を可溶化する。界面活性剤としては、ドデシル硫酸ナトリウム（SDS）、セチルトリメチルアンモニウムブロマイド（CTAB）等が挙げられるが、これらは強力なタンパク質変

性作用を有するので、タンパク質が生物活性を持つように折り畳まれるためには、透析などにより、過剰な該界面活性剤を、例えばT r i t o n X-100等の穏やかな非イオン性界面活性剤を含む緩衝液と交換して除去するか、もしくは適当な濃度まで希釈する必要がある。以下、界面活性剤の存在下で一般に用いられる方法を適宜組み合わせることによって新規 β_2 -ARサブタイプを単離精製することができる。例えば、塩析、溶媒沈殿法等の溶解度を利用する方法、透析、限外濾過、ゲル濾過、SDS-PAGE等の分子量の差を利用する方法、イオン交換クロマトグラフィーやヒドロキシアパタイトクロマトグラフィー等の荷電を利用する方法、アフィニティークロマトグラフィー等の特異的親和性を利用する方法、逆相高速液体クロマトグラフィー等の疎水性の差を利用する方法、等電点電気泳動等の等電点の差を利用する方法等が挙げられる。

本発明の新規 β_2 -ARサブタイプを用いて、当該 β_2 -ARサブタイプのアゴニストおよび／またはアンタゴニストをスクリーニングすることができる。用いられる新規 β_2 -ARサブタイプは、当該 β_2 -ARサブタイプを発現する形質転換細胞の形態であることが好ましい。例えば、以下のスクリーニング方法が挙げられる。

(1) 受容体結合試験：一定量の上記形質転換細胞を適当な緩衝液を含む培地で種々の濃度の試験化合物とともに予め一定時間反応させた後、新規 β_2 -ARサブタイプに対する既知の放射性リガンド、例えば $[^{125}\text{I}]$ シアノピンドロール等がある濃度（例えば K_d 値の濃度）で添加し、さらに一定時間反応させる。反応終了後、細胞を回収してその放射活性を測定し、放射性リガンドを単独で加えた時の特異的結合による放射活性を100%として放射性リガンドの特異的結合の割合を試験化合物の濃度に対してプロットして置換曲線を作成する。該結合の割合を50%減少させる試験化合物の濃度（ IC_{50} ）を置換曲線より読み取り、この値を試験化合物の新規 β_2 -ARサブタイプに対する見かけの親和性として評価する。なお、リガンドの非特異的結合による放射活性は過剰量の β -拮抗薬、例えば(-)-アルプレノロール等をさらに添加した場合の放射活性を差し引くことによ

り補正される。

(2) cAMP蓄積試験：一定量の上記形質転換細胞を、アデニル酸シクラーゼの基質やコファクター、およびホスホジエステラーゼ阻害剤（例えば、3-イソブチルー1-メチルキサンチン等）などを含む適当な緩衝液中で種々の濃度の試験化合物とともに一定時間反応させた後、生成、蓄積するcAMP量をエンザイムイムノアッセイ（EIA）法等により測定し、最大濃度の試験化合物添加時のcAMP量を100%、非添加時のcAMP量を0%として濃度-反応曲線を作成し、50%の蓄積率を引き起こす試験化合物の濃度（EC₅₀）を算出、評価する。

受容体結合試験において新規 β_2 -ARサブタイプに対して親和性を有する試験化合物のうち、cAMP蓄積試験においてcAMP蓄積作用を有するものは当該新規サブタイプのアゴニストであり、cAMP蓄積作用が認められないものはアンタゴニストであると判定できる。

本発明の新規 β_2 -ARサブタイプのアゴニストおよび/またはアンタゴニストのスクリーニング用キットは、当該 β_2 -ARサブタイプを含むものであれば特に制限されない。該タンパク質は通常の生理活性を有する限りどのような形態であってもよく、単離精製されたものでも、或いは該タンパク質を発現する形質転換細胞であってもよい。好ましくは、タンパク質の安定化や取り扱いの容易さを考慮して、該タンパク質を発現する形質転換動物培養細胞が例示される。但し、この場合は細胞あたりの発現量が均一な細胞株を使用することが望ましい。

また、本発明のスクリーニング用キットは、さらに受容体結合試験において使用される標識リガンドを含む試薬およびcAMP蓄積試験において使用されるcAMP定量用試薬を含むものであることがより好ましい。標識リガンドとしては¹²⁵I]シアノピンドロール、³H]ジヒドロアルプレノロール、³H]キャラゾール等が例示される。またcAMP定量用試薬としては、cAMPに対する抗体およびその検出試薬類が例示される。

また上記以外で受容体結合試験またはcAMP蓄積試験において使用される各

種試薬（例えば緩衝液、培地等）および器具（例えば、反応容器等）を含めてもよい。

細胞または組織において、本発明の新規 β_2 -ARサブタイプが発現していることを、当該新規サブタイプcDNAと既知のヒト β_2 -ARサブタイプcDNAとの塩基配列の相違を利用して両者を区別することにより判別することができる。具体的な検定法の例については、後記実施例5にて詳述する。

以下に、実施例および試験例を挙げて本発明を具体的に説明するが、本発明はこれらによって何等限定されるものではない。

実施例1 A431細胞からの新規ヒト β_2 -ARサブタイプのcDNAクローニング

CO₂ インキュベーター（LNA-122D；TAKAI 社製）中、37℃、5%CO₂の条件下で、ダルベッコ改変最少必須培地（DMEM）に細胞密度 $1 \times 10^5 \sim 1 \times 10^6$ 細胞/シャーレとなるように継代培養されたヒト類表皮癌細胞A431細胞株〔大日本製薬（株）製、カタログ番号：09-1555〕 $2 \times 10^5 \sim 2 \times 10^6$ 細胞をRNAzol™（BIOTECH LABORATORIES社製）に溶解し、遠心分離後の水層にイソプロパノールを加えて全RNAを抽出した。次いで、該RNA試料を鋳型としてRT-PCR法により目的の新規 β_2 -ARサブタイプのcDNAを増幅させた。

RT-PCR反応はSuper Script™ Preamplification System（Life Technologies社製）を用い、添付のプロトコールに従って行った。

1) 逆転写反応：以下の組成の反応液を調製し、70℃で10分間、次いで42℃で50分間インキュベートして一本鎖cDNAを合成した。

各dNTP	20nmol / 20μL
RNA sin	20単位
オリゴdT	100pmol
A431細胞由来全RNA試料	5μg
MoMuLV由来逆転写酵素	200単位

さらに、95℃で5分間加熱してRNAとcDNAを解離させると共に逆転写酵素を失活させ、直ちに氷冷し、以下のPCR増幅反応に供した。

2) PCR増幅：下記合成オリゴヌクレオチドをそれぞれセンスプライマーおよびアンチセンスプライマーとして使用した。

センスプライマー (β_2 -N1)：

5' -ACACCTGCAGGTGAGGCTTCCAGGCGTCC -3' (配列表配列番号4)

アンチセンスプライマー (β_2 -C1)：

5' -CACAAGCTTGTCTGTTTACTGTTCTGTTGG -3' (配列表配列番号5)

β_2 -N1は、既知のヒト β_2 -AR cDNAの5' 非翻訳領域の一部(配列表配列番号3の塩基番号90~107に相当する)と同一の配列およびその上流にSse8387I認識部位を有するものであり、 β_2 -C1は該cDNAの3' 非翻訳領域の一部(配列表配列番号3の塩基番号1466~1486に相当する)に相補的な配列およびその下流にHindIII 認識部位を有するものである。既知のヒト β_2 -AR cDNAの場合、これらのプライマーによって約1.4 kbpの増幅断片が得られる。

逆転写反応溶液に上記プライマーをそれぞれ25 pmol、および2単位のTaq DNAポリメラーゼを添加し、滅菌蒸留水で全量100 μ Lとして、自動サーマルサイクラー(PERKIN ELMER社製)を用いて以下の条件で30サイクル増幅反応を行った。(1)変性：95℃, 30秒, (2)アニーリング：55℃, 30秒, (3)伸長：72℃, 1分。反応終了後、反応液を制限酵素Sse8387IおよびHindIIIで消化し、アガロースゲル電気泳動に付したところ、約1.4 kbpの1本のバンドが検出された。

3) cDNAクローニングおよびシーケンス：このバンド部分のゲルを切り出し、Spin Bind™ DNA Recovery System (FMC BioProducts 社製)を用いてcDNA断片を精製・回収した。DNA Ligation Kit (宝酒造社製)を用いて該断片をSse8387IおよびHindIIIで消化したpUC119ベクターに、挿入し、常法に従って大腸菌HB101に導入後、アンピシリン100 μ g/mL含有LB寒天上

で形質転換体を選択した。得られた形質転換体をLB培地で液体培養した後アルカリ法によりプラスミドDNA (pUC β_2) を抽出、電気泳動にてcDNAの挿入を確認した後、インサート部分の塩基配列をBcaBEST™ Dideoxy Sequencing Kit (宝酒造社製) を用いて決定した。以上の工程を図1に模式的に示す。

図2および3にクローニングされたcDNAの全塩基配列および該DNAがコードするタンパク質のアミノ酸配列を示す(但し、図2中、塩基番号-100~-83および図3中、塩基番号1280~1300で示される配列は、それぞれPCR反応に用いたセンスおよびアンチセンスプライマー部分に相当するので、当該領域内の塩基の一部は本来のcDNAの配列と異なる可能性がある)。

このcDNAは全長1400bpで415アミノ酸をコードするオープンリーディングフレーム(ORF)を有していた(配列表配列番号2の塩基配列中、塩基番号101~1345に相当する)。既知のヒト β_2 -AR cDNA(配列表配列番号3の塩基配列中、塩基番号90~1486で表される配列が、クローニングされたcDNAの全長に対応する部分である)とのホモロジー比較の結果、クローニングされたcDNAは、アミノ酸配列において既知のヒト β_2 -AR cDNAと96.6%の相同性を有していたが、41の塩基置換が存在し、そのうち30がORF内部にあり、さらにその内の13がアミノ酸置換をもたらすものであった(図2中、クローニングされたcDNAの塩基配列の上段に、既知のヒト β_2 -AR cDNAの塩基配列の中で新規cDNAの塩基配列と異なる塩基を、また、クローニングされたcDNAがコードするタンパク質のアミノ酸配列の下段に、既知のヒト β_2 -ARのアミノ酸配列の中で新規タンパク質のアミノ酸配列と異なるアミノ酸をそれぞれ記載している)。また、5'非翻訳領域内に連続する6塩基(TGCGAA)中5塩基が既知のヒト β_2 -AR cDNA(CCCAGC)と異なる部分が認められた。さらに、357位のアスパラギン(Asn)の後に既知のヒト β_2 -ARにはない2アミノ酸[セリン(Ser)-アスパラギン(Asn)]が挿入されていた。

実施例2 ヒト心臓組織からの新規ヒト β_2 -ARサブタイプのcDNAクローニ

ング

ヒト心臓組織由来のmRNA (CLONTECH社製) を材料として、実施例1と同様の方法で新規 β_2 -ARサブタイプcDNAをクローニングし、その塩基配列を決定した。その結果、ヒト心臓組織由来の新規 β_2 -ARサブタイプcDNAはA431細胞由来のものと比較して3塩基の置換〔図2中、塩基番号238のチミン(T)がアデニン(A)に、図3中、塩基番号823のチミン(T)がシトシン(C)に、1143のアデニン(A)がグアニン(G)にそれぞれ変化している〕がみられ、そのうちの1つがアミノ酸の置換〔図2中、80位のロイシン(Leu)がイソロイシン(Ile)に変化している〕を引き起こすものである以外は、全く共通であった。

実施例3 動物細胞用新規 β_2 -ARサブタイプ発現プラスミドの作製

図4および5に示したストラテジーに従い、新規ヒト β_2 -ARサブタイプを機能的に担持する動物細胞用発現プラスミドを構築した。

1) SV40プロモーターと同ポリアデニル化シグナルとの間にHindIII 認識部位を有する動物細胞用発現ベクターpKCRH2 [Mishina ら, *Nature*, 307: 604-608 (1984)] をSalI で消化し、DNA Blunting Kit (宝酒造社製) を用いて末端平滑化後、別の動物細胞用発現ベクターpSV2-neo [SouthernとBerg, *J. Mol. Appl. Genet.*, 1: 327-341 (1982)] をAccIおよびAatIIで消化して得られるネオマイシンホスホトランスフェラーゼ遺伝子(nptII)の発現カセットを含む3.67kb断片(同様に末端平滑化したもの)をこれにライゲーションし、常法により大腸菌HB101に導入してアンピシリン100 μ g/mLおよびカナマイシン25 μ g/mL含有LB寒天上で形質転換体を選択した。得られた形質転換体からプラスミドDNA(pKCN0)を抽出し、一部を電気泳動してネオマイシンホスホトランスフェラーゼ遺伝子の挿入を確認した後、該プラスミドをHindIIIで消化し、下記の合成アダプターを挿入してマルチクローニング部位を導入し、これを大腸菌HB101に導入してアンピシリン100 μ g/mLを含むLB寒天上で形質転換体を選択、常法によりプラスミドDNA(pKCL

N1) を抽出した。マルチクローニング部位の挿入は、得られたプラスミドDNAをDraIおよびHindIIIで消化して電気泳動し、約430bpの位置にバンドが検出されることにより確認した(pKCN0の場合、約380bpのバンドが得られる)。

合成アダプター (配列表配列番号6) :

5' - AGCTCCTGCAGCGCGCGCGATATCTCGAGCGCGCGCGGTACCA - 3'

3' - GGACGTCCGCGCGGCTATAGAGCTCGCGCGCGCCATGGTTCCA - 5'

2) 実施例1で作製した新規 β_2 -ARサブタイプcDNAを含むプラスミドpUC β_2 をSse8387IおよびHindIIIで消化し、2%NuSieve™3:1 Agarose (宝酒造社製)ゲルを用いて電気泳動し、約1.4kbpの断片を回収精製した。該断片と、Sse8387IおよびHindIIIで消化したpKCN1の8.3kbp断片とをライゲーションし、常法により大腸菌HB101に導入、アンピシリン100 μ g/mLを含むLB寒天上で形質転換体を選択した。得られた形質転換体を培養後、常法によりプラスミドDNAを抽出し、Sse8387IおよびHindIIIで消化した後、電気泳動して新規 β_2 -ARサブタイプcDNAの挿入を確認した。

以上により、得られた動物細胞用新規 β_2 -ARサブタイプ発現プラスミドをpKREX20と命名した。

実施例4 新規 β_2 -ARサブタイプ高発現CHO細胞株の作製

プラスミドpKREX20をリン酸カルシウム共沈澱法によりチャイニーズ・ハムスター卵巣細胞CHO-K1 (ATCC: CCL-61) に導入し、CO₂ インキュベーター (LNA-122D; TABAI 社製) 中、37℃、5%CO₂ の条件下で、10%ウシ胎児血清、11.5 μ g/mLのプロリンおよび600 μ g/mLのG-418 (Life Technologies 社製) を含むDMEM培地 (ICN Biomedicals 社製) で14日間培養し、形質転換細胞株を選択した。

50個のG-418耐性クローンについて、培地を除去後0.5mMエチレンジアミン四酢酸 (EDTA) を含むリン酸緩衝生理食塩水 (PBS) 中、37℃で10分間静置することによって細胞を培養器から剝離した。次いで遠心分離に

より細胞を集め、1 mM EDTAを含む10 mMトリス塩酸緩衝液 (pH 7.5) 中に細胞密度約 5×10^6 細胞/mLになるように懸濁した。該懸濁液 20 μ L および 1.5 nM [125 I]シアノピンドロール (CYP) を、1% ウシ血清アルブミン、0.1% NaN₃ および 20 mM HEPES 緩衝液 (pH 7.4) を含む RPMI-1640 培地 (ICN Biomedicals 社製) 200 μ L 中で混合し、4°C で 2 時間静置した。バイオドット装置 (Bio-Rad Laboratories 社製) を用いて、あらかじめ 0.3% ポリエチレンイミンに浸したガラスフィルター GF/C (Whatman 社製) で濾過洗浄し、フィルター上の放射活性を γ 線計数管を用いて測定した。放射活性の最も高いクローンを選び、新規ヒト β_2 -AR サブタイプ高発現細胞株 CHO/pKREX20-58 と命名した。

試験例 1 新規ヒト β_2 -AR サブタイプへの放射性リガンド結合性試験

実施例 4 で得られた新規ヒト β_2 -AR サブタイプ高発現細胞株 CHO/pKREX20-58 を、CO₂ インキュベーター中、37°C、5% CO₂ の条件下で、10% ウシ胎児血清、11.5 μ g/mL のプロリンおよび 200 μ g/mL の G-418 を含む DMEM 培地で 3 日間培養し、培地を除去後 0.5 mM EDTA を含む PBS 中、37°C で 10 分間静置することによって細胞を培養器から剝離した。次いで遠心分離により細胞を集め、1 mM EDTA を含む 10 mM トリス塩酸緩衝液 (pH 7.5) 中に細胞密度約 5×10^6 細胞/mL になるように懸濁した。該懸濁液 20 μ L および種々の濃度の [125 I]CYP を、1% ウシ血清アルブミン、0.1% NaN₃ および 20 mM HEPES 緩衝液 (pH 7.4) を含む RPMI-1640 培地 200 μ L 中で混合し、4°C で 4 時間静置した (反応物 A)。別途に、上記混合物にさらに β -受容体拮抗薬である (-)-アルプレノロール (100 μ M) を添加した試料を調製し、同様に 4°C で 4 時間反応させた (反応物 B)。それぞれについて、実施例 4 と同様の方法で放射活性を測定した。

反応物 B における放射活性は非特異的結合によるものであるから、CHO/pKREX20-58 細胞上のヒト β_2 -AR に特異的に結合した [125 I]CYP の放

射活性は下式にて与えられる。

〔特異的結合による放射活性〕＝

〔反応物 A の放射活性〕－〔反応物 B の放射活性〕

（なお、CHO-KI 細胞株について同様に実験した結果、当該細胞に内在の β_2 -AR の発現は検出されなかった。）

各 [125 I]CYP 濃度における特異的結合による放射活性はミカエリス・メンテンの式に従って変化した（図 6）。したがって、CHO/pKREX20-58 細胞上で発現した新規ヒト β_2 -AR サブタイプが、実際にリガンド結合能を有することが確認された。

また、遊離した [125 I]CYP の濃度を F、受容体と結合した [125 I]CYP の濃度（即ち、細胞あたりの [125 I]CYP と結合した受容体数）を B とし、B/F を縦軸に、B を横軸としてプロットした（Scatchard plot）結果を図 7 に示す。細胞あたりの受容体数を B_{max} ，結合の解離定数を K_d とすると、図 7 の直線は、

$$B/F = (-1/K_d) \cdot (B - B_{max})$$

で表される。

したがって、図 7 より CHO/pKREX20-58 細胞株 1 個あたりの新規ヒト β_2 -AR の数は約 18,000 個/細胞、 K_d 値は 75 pM であることが示された。（既知のヒト β_2 -AR cDNA を有する組換えベクターで形質転換した CHO 細胞の場合、1 細胞あたりの β_2 -AR の数は約 47,000 個/細胞、 K_d 値は 32 pM である。）

試験例 2 cAMP 蓄積試験

新規ヒト β_2 -AR サブタイプ高発現細胞株 CHO/pKREX20-58 を試験例 1 と同様に培養および回収し、1 mM アスコルビン酸および 1 mM の 3-イソブチル-1-メチルキサンチンを含む Hanks' 平衡緩衝塩液（ICN Bio-medicals 社製）中に細胞密度 2×10^6 細胞/mL となるように懸濁した。該懸濁液 100 μ L と種々の濃度の (-)-イソプロテレノール（IPT）を Hanks'

平衡緩衝塩液 500 μ L 中で混合し、37℃で30分間反応させた後5分間煮沸して反応を停止させた。該反応液を遠心分離した後上清中の cAMP 量を cAMP EIA System (Amersham社製) を用いて測定した。10⁻⁵M (-)-IPT 添加時および (-)-IPT 非添加時の cAMP 量をそれぞれ 100% および 0% とし、濃度-反応曲線から最小二乗法により 50% の cAMP 蓄積率を引き起こす濃度 (EC₅₀) を算出した。その結果、CHO/pKREX20-58 を (-)-IPT により刺激すると、濃度依存的な cAMP 量の増加が認められ (図8)、その EC₅₀ 値は 43 nM であった。したがって、CHO/pKREX20-58 細胞上で発現した新規ヒト β_2 -AR サブタイプが、実際に cAMP 蓄積活性 (アデニル酸シクラーゼ活性化作用) を有することが確認された。

実施例5 ヒト細胞および組織内での新規 β_2 -AR サブタイプの発現の検定

1) 実施例1の方法に従って抽出した A431 細胞由来の mRNA、およびヒト心臓組織由来の mRNA (CLONTECH社製) を鋳型として、下記の合成オリゴヌクレオチドをそれぞれセンスプライマーおよびアンチセンスプライマーに用いて実施例1の方法に従って RT-PCR を行った。

センスプライマー (β_2 -N2) :

5' -GGGAATGGCTACTCCAGCAAC -3' (配列表配列番号7)

アンチセンスプライマー (β_2 -C2) :

5' -CTGCTTTACAGCAGTGAGTC -3' (配列表配列番号8)

β_2 -N2 は新規ヒト β_2 -AR サブタイプ cDNA (配列表配列番号2の塩基配列中、塩基番号1151~1171に相当する) および既知のヒト β_2 -AR サブタイプ cDNA (配列表配列番号3の塩基配列中、塩基番号1240~1260に相当する) と相同な配列を有するものであり、また、 β_2 -C2 は新規ヒト β_2 -AR サブタイプ cDNA (配列表配列番号2の塩基配列中、塩基番号1334~1353に相当する) および既知のヒト β_2 -AR サブタイプ cDNA (配列表配列番号3の塩基配列中、塩基番号1417~1436に相当する) に相補的な配列を有するものである。したがって、これらのプライマーを用いると、新規ヒト

β_2 -AR mRNAからは203 bp、既知のヒト β_2 -AR mRNAからは197 bpの増幅断片がそれぞれ得られる。

2) 上記1) で得られたRT-PCR反応液を2本に分け、一方をEcoRV、他方をPmaCIでそれぞれ消化し、2% アガロースゲル電気泳動により分離した。該アガロースゲルをエチジウムブロマイド染色した結果、図9の(a)に示すようなバンドパターンが得られた。即ち、A431細胞由来のRT-PCR反応産物をEcoRV処理した場合、151および52 bpの濃いバンドと46 bpの薄いバンドが観察され、PmaCI処理した場合は203 bpの濃いバンドと、146および51 bpの薄いバンドが観察された。一方、ヒト心臓組織由来のRT-PCR反応産物をEcoRVで処理すると、151および46 bpの濃いバンドと52 bpの薄いバンドが見られ、PmaCIで処理した場合、A431細胞とは逆に203 bpの薄いバンドと146および51 bpの濃いバンドが観察された。

図9の(b)に示す通り、EcoRV処理により既知のヒト β_2 -ARサブタイプcDNA由来の197 bp増幅断片は151 bpおよび46 bpの断片に、新規ヒト β_2 -ARサブタイプcDNA由来の203 bp増幅断片は151 bpおよび52 bpの断片にそれぞれ切断される。一方、PmaCIで処理した場合、既知のヒト β_2 -ARサブタイプcDNA由来の197 bp増幅断片は146 bpおよび51 bpの断片に切断される。これに対し、新規ヒト β_2 -ARサブタイプcDNAでは配列表配列番号2の塩基番号1208で示される塩基がシトシン(C)に変異しているため、既知のヒト β_2 -AR cDNAに存在するPmaCI認識部位(配列表配列番号3の塩基配列中、塩基番号1288~1293に相当する)がなくなっている。したがって、新規ヒト β_2 -ARサブタイプcDNA由来の203 bp増幅断片はPmaCIでは切断されない。

以上の結果より、A431細胞およびヒト心臓組織とも、新規 β_2 -ARと既知 β_2 -ARの両方のサブタイプが発現しているが、A431細胞では新規サブタイプが、ヒト心臓組織では既知サブタイプがより大量に発現していることが判明した。

本発明の新規 β_2 -AR サブタイプは、既知ヒト β_2 -AR の 16 位のアルギニンがグリシンに置換している。Reihnsausらは、この置換を引き起こす DNA の多型を有する喘息患者が、特有の臨床上のプロファイルを示すことを報告している [Am. J. Respir. Cell Mol. Biol., 8: 334-339 (1993)]。したがって、本発明の新規 β_2 -AR サブタイプを用いた当該サブタイプのアゴニストのスクリーニング法は、当該サブタイプが特異的に高い感受性を示すアゴニストを有効成分とする喘息治療薬、特に気管支平滑筋組織において本発明の新規 β_2 -AR サブタイプを主に発現する喘息患者に対する治療薬の開発研究に極めて有用である。

また、本発明の新規ヒト β_2 -AR サブタイプの発現の検定法は、上記特有の臨床上のプロファイルを示す喘息患者の診断に有効である。

さらにまた、本発明の新規ヒト β_2 -AR サブタイプ DNA を用いて遺伝子破壊により内在の β_2 -AR をノックアウトした実験動物、およびさらに新規ヒト β_2 -AR サブタイプ DNA を機能的に組み込んだトランスジェニック実験動物を作出することは、 β_2 -AR の喘息疾患との関連性を解明するための研究材料として非常に有用である。

本出願は日本で出願された平成 8 年特許願第 7 2 9 1 4 号を基礎としており、その内容は本明細書に全て包含される。また、ここで述べられた刊行物に記載される内容は、ここにその全てが明示されたと同程度に本明細書中に組み込まれるものである。

配列表

配列の数：8

(1) 配列番号：1 に関する情報

(i) 配列の特徴：

(A) 配列の長さ：415

(B) 配列の型：アミノ酸

(D) トポロジー：直鎖状

(ii) 配列の種類：タンパク質

(ix) 特徴：

(D) その他の情報：アミノ酸番号80のXaa は、Leu またはIle である。

(xi) 配列の記載：配列番号：1

Met Gly Gln Pro Gly Asn Gly Ser Ala Phe Leu Leu Ala Pro Asn Gly
 1 5 10 15
 Ser His Ala Pro Asp His Asp Val Thr Gln Glu Arg Asp Glu Ala Trp
 20 25 30
 Val Val Gly Met Gly Ile Val Met Ser Leu Ile Val Leu Ala Ile Val
 35 40 45
 Phe Gly Asn Val Leu Val Ile Thr Ala Ile Ala Lys Phe Glu Arg Leu
 50 55 60
 Gln Thr Val Thr Asn Tyr Phe Ile Thr Ser Leu Ala Cys Ala Asp Xaa
 65 70 75 80
 Val Met Gly Leu Ala Val Val Pro Phe Gly Ala Ala His Ile Leu Met
 85 90 95
 Lys Met Trp Thr Phe Gly Asn Phe Trp Cys Glu Phe Trp Thr Ser Ile
 100 105 110
 Asp Val Leu Cys Val Thr Ala Ser Ile Glu Thr Leu Cys Val Ile Ala

115 120 125
Val Asp Arg Tyr Phe Ala Ile Thr Ser Pro Phe Lys Tyr Gln Ser Leu
130 135 140
Leu Thr Lys Asn Lys Ala Arg Val Ile Ile Leu Met Val Trp Ile Val
145 150 155 160
Ser Gly Leu Thr Ser Phe Leu Pro Ile Gln Met His Trp Tyr Arg Ala
165 170 175
Thr His Gln Glu Ala Ile Asn Cys Tyr Ala Lys Glu Thr Cys Cys Asp
180 185 190
Phe Phe Thr Asn Gln Ala Tyr Ala Ile Ala Ser Ser Ile Val Ser Phe
195 200 205
Tyr Val Pro Leu Val Ile Met Val Phe Val Tyr Ser Arg Val Phe Gln
210 215 220
Glu Ala Lys Arg Gln Leu Gln Lys Ile Asp Lys Ser Glu Gly Arg Phe
225 230 235 240
His Ala Gln Asn Leu Ser Gln Val Glu Gln Asp Gly Arg Thr Gly His
245 250 255
Gly Leu Arg Arg Ser Ser Lys Phe Tyr Leu Lys Glu His Lys Ala Leu
260 265 270
Lys Thr Leu Gly Ile Ile Met Gly Thr Phe Thr Leu Cys Trp Leu Pro
275 280 285
Phe Phe Ile Val Asn Ile Val His Val Ile Gln Asp Asn Leu Ile Pro
290 295 300
Lys Glu Val Tyr Ile Leu Leu Asn Trp Val Gly Tyr Val Asn Ser Ala
305 310 315 320
Phe Asn Pro Leu Ile Tyr Cys Arg Ser Pro Asp Phe Arg Ile Ala Phe
325 330 335

Gln Glu Leu Leu Cys Leu Arg Arg Ser Ser Leu Lys Ala Cys Gly Asn
340 345 350
Gly Tyr Ser Ser Asn Ser Asn Gly Asn Thr Gly Glu Gln Ser Gly Tyr
355 360 365
His Leu Glu Gln Glu Lys Glu Asn Lys Leu Leu Cys Glu Asp Leu Pro
370 375 380
Gly Thr Glu Asp Phe Val Gly His Gln Gly Thr Val Pro Ser Asp Asn
385 390 395 400
Ile Asp Ser Pro Gly Arg Ser Cys Ser Thr Asn Asp Ser Leu Leu
405 410 415

(1) 配列番号：2 に関する情報

(i) 配列の特徴：

- (A) 配列の長さ：配列の長さ：1400
(B) 配列の型：核酸
(C) 鎖の数：二本鎖
(D) トポロジー：直鎖状

(ii) 配列の種類: cDNA to mRNA

(ix) 特徵：

(D) その他の情報：塩基番号1-18および1380-1400 は、それぞれクローニングに用いたセンスプライマーおよびアンチセンスプライマーの部分に相当する。アミノ酸番号80のXaa は、Leu またはIle である。

(xi) 配列の記載：配列番号：2

TGAGGCTTCC AGGCGTCCGC TTGCGGCCCCG CAGAGCCCCG CCGGGGTCT GCCCGCTGAG 60
GCGCCTGCCA ACAGTGGCT CACCTGCCAG ACTGCGCGCC ATG GGG CAA CCC GGG 115
Met Gly Gln Pro Gly

1

5

AAC GGC AGC GCC TTC CTG CTG GCA CCC AAC GGA AGC CAT GCG CCG GAC 163
Asn Gly Ser Ala Phe Leu Leu Ala Pro Asn Gly Ser His Ala Pro Asp
10 15 20
CAC GAC GTA ACG CAG GAA CGG GAC GAG GCG TGG GTG GTG GGC ATG GGC 211
His Asp Val Thr Gln Glu Arg Asp Glu Ala Trp Val Val Gly Met Gly
25 30 35
ATC GTC ATG TCT CTC ATC GTC CTG GCC ATC GTG TTT GGC AAT GTG CTG 259
Ile Val Met Ser Leu Ile Val Leu Ala Ile Val Phe Gly Asn Val Leu
40 45 50
GTC ATC ACA GCC ATT GCC AAG TTC GAG CGT CTG CAG ACG GTC ACC AAC 307
Val Ile Thr Ala Ile Ala Lys Phe Glu Arg Leu Gln Thr Val Thr Asn
55 60 65
TAC TTC ATC ACT TCA CTG GCC TGT GCT GAC WTA GTC ATG GGC TTG GCA 355
Tyr Phe Ile Thr Ser Leu Ala Cys Ala Asp Xaa Val Met Gly Leu Ala
70 75 80 85
GTG GTG CCC TTT GGG GCC GCC CAT ATT CTC ATG AAA ATG TGG ACT TTT 403
Val Val Pro Phe Gly Ala Ala His Ile Leu Met Lys Met Trp Thr Phe
90 95 100
GGC AAC TTC TGG TGC GAG TTT TGG ACT TCC ATT GAT GTG CTG TGC GTC 451
Gly Asn Phe Trp Cys Glu Phe Trp Thr Ser Ile Asp Val Leu Cys Val
105 110 115
ACG GCC AGC ATT GAG ACC CTG TGC GTG ATC GCA GTG GAT CGC TAC TTT 499
Thr Ala Ser Ile Glu Thr Leu Cys Val Ile Ala Val Asp Arg Tyr Phe
120 125 130
GCC ATT ACT TCA CCC TTC AAG TAT CAG AGC CTG CTG ACC AAG AAT AAG 547
Ala Ile Thr Ser Pro Phe Lys Tyr Gln Ser Leu Leu Thr Lys Asn Lys
135 140 145

GCC CGG GTG ATC ATT CTG ATG GTG TGG ATC GTG TCA GGC CTT ACC TCC 595
 Ala Arg Val Ile Ile Leu Met Val Trp Ile Val Ser Gly Leu Thr Ser
 150 155 160 165
 TTC TTG CCC ATT CAG ATG CAC TGG TAC CGG GCC ACC CAC CAG GAA GCC 643
 Phe Leu Pro Ile Gln Met His Trp Tyr Arg Ala Thr His Gln Glu Ala
 170 175 180
 ATC AAC TGC TAC GCC AAG GAG ACC TGC TGT GAC TTC TTC ACG AAC CAA 691
 Ile Asn Cys Tyr Ala Lys Glu Thr Cys Cys Asp Phe Phe Thr Asn Gln
 185 190 195
 GCC TAT GCC ATT GCC TCC TCC ATC GTG TCC TTC TAC GTT CCC CTG GTG 739
 Ala Tyr Ala Ile Ala Ser Ser Ile Val Ser Phe Tyr Val Pro Leu Val
 200 205 210
 ATC ATG GTC TTC GTC TAC TCC AGG GTC TTT CAG GAG GCC AAA AGG CAG 787
 Ile Met Val Phe Val Tyr Ser Arg Val Phe Gln Glu Ala Lys Arg Gln
 215 220 225
 CTC CAG AAG ATT GAC AAA TCT GAG GGC CGC TTC CAT GCC CAG AAC CTT 835
 Leu Gln Lys Ile Asp Lys Ser Glu Gly Arg Phe His Ala Gln Asn Leu
 230 235 240 245
 AGC CAG GTG GAG CAG GAT GGG CGG ACA GGG CAT GGA CTC CGC AGA TCT 883
 Ser Gln Val Glu Gln Asp Gly Arg Thr Gly His Gly Leu Arg Arg Ser
 250 255 260
 TCC AAG TTC TAC TTG AAG GAG CAC AAA GCC CTC AAG ACG YTA GGC ATC 931
 Ser Lys Phe Tyr Leu Lys Glu His Lys Ala Leu Lys Thr Leu Gly Ile
 265 270 275
 ATC ATG GGC ACT TTC ACC CTC TGC TGG CTG CCC TTC TTC ATC GTT AAC 979
 Ile Met Gly Thr Phe Thr Leu Cys Trp Leu Pro Phe Phe Ile Val Asn
 280 285 290

ATT GTG CAT GTG ATC CAG GAT AAC CTC ATC CCT AAG GAA GTT TAC ATC 1027
 Ile Val His Val Ile Gln Asp Asn Leu Ile Pro Lys Glu Val Tyr Ile
 295 300 305
 CTC CTA AAT TGG GTG GGC TAT GTC AAT TCT GCT TTC AAT CCC CTT ATC 1075
 Leu Leu Asn Trp Val Gly Tyr Val Asn Ser Ala Phe Asn Pro Leu Ile
 310 315 320 325
 TAC TGC CGG AGC CCA GAT TTC AGG ATT GCC TTC CAG GAG CTT CTG TGT 1123
 Tyr Cys Arg Ser Pro Asp Phe Arg Ile Ala Phe Gln Glu Leu Leu Cys
 330 335 340
 CTG CGC AGG TCT TCT TTG AAG GCC TGT GGG AAT GGC TAC TCC AGC AAC 1171
 Leu Arg Arg Ser Ser Leu Lys Ala Cys Gly Asn Gly Tyr Ser Ser Asn
 345 350 355
 AGC AAT GGC AAC ACA GGG GAG CAG AGT GGA TAT CAC CTG GAA CAG GAG 1219
 Ser Asn Gly Asn Thr Gly Glu Gln Ser Gly Tyr His Leu Glu Gln Glu
 360 365 370
 AAA GAA AAT AAA CTG CTG TGT GAR GAC CTC CCA GGC ACG GAA GAC TTT 1267
 Lys Glu Asn Lys Leu Leu Cys Glu Asp Leu Pro Gly Thr Glu Asp Phe
 375 380 385
 GTG GGC CAT CAA GGT ACT GTG CCT AGC GAT AAC ATT GAT TCA CCA GGG 1315
 Val Gly His Gln Gly Thr Val Pro Ser Asp Asn Ile Asp Ser Pro Gly
 390 395 400 405
 AGG AGT TGT AGT ACA AAT GAC TCA CTG CTG TAAAGCAGTT TTTCTACTTT 1365
 Arg Ser Cys Ser Thr Asn Asp Ser Leu Leu
 410 415
 TTAAGACCAC CCCCCAACA GAACACTAAA CAGAC 1400

(1) 配列番号 : 3 に関する情報

(i) 配列の特徴 :

(A) 配列の長さ : 配列の長さ : 1999

(B) 配列の型 : 核酸

(C) 鎖の数 : 二本鎖

(D) トポロジー : 直鎖状

(ii) 配列の種類 : cDNA to mRNA

(xi) 配列の記載 : 配列番号 : 3

TGGAAGTGGC AGGCACCGCG AGCCCCTAGC ACCCGACAAG CTGAGTGTGC AGGACGAGTC 60
 CCCACCACAC CCACACCACA GCCGCTGAAT GAGGCTTCCA GCGGTCCGCT CGCGGCCCCG 120
 AGAGCCCCGC CGTGGGTCCG CCCGCTGAGG CGCCCCCAGC CAGTGGCGTT ACCTGCCAGA 180
 CTGCGCGCC ATG GGG CAA CCC GGG AAC GGC AGC GCC TTC TTG CTG GCA CCC 231
 Met Gly Gln Pro Gly Asn Gly Ser Ala Phe Leu Leu Ala Pro
 1 5 10
 AAT AGA AGC CAT GCG CCG GAC CAC GAC GTC ACG CAG CAA AGG GAC GAG 279
 Asn Arg Ser His Ala Pro Asp His Asp Val Thr Gln Gln Arg Asp Glu
 15 20 25 30
 GTG TGG GTG GTG GGC ATG GGC ATC GTC ATG TCT CTC ATC GTC CTG GCC 327
 Val Trp Val Val Gly Met Gly Ile Val Met Ser Leu Ile Val Leu Ala
 35 40 45
 ATC GTG TTT GGC AAT GTG CTG GTC ATC ACA GCC ATT GCC AAG TTC GAG 375
 Ile Val Phe Gly Asn Val Leu Val Ile Thr Ala Ile Ala Lys Phe Glu
 50 55 60
 CGT CTG CAG ACG GTC ACC AAC TAC TTC ATC ACT TCA CTG GCC TGT GCT 423
 Arg Leu Gln Thr Val Thr Asn Tyr Phe Ile Thr Ser Leu Ala Cys Ala
 65 70 75
 GAT CTG GTC ATG GGC CTG GCA GTG GTG CCC TTT GGG GCC GCC CAT ATT 471
 Asp Leu Val Met Gly Leu Ala Val Val Pro Phe Gly Ala Ala His Ile

80	85	90	
CTT ATG AAA ATG TGG ACT TTT GGC AAC TTC TGG TGC GAG TTT TGG ACT	519		
Leu Met Lys Met Trp Thr Phe Gly Asn Phe Trp Cys Glu Phe Trp Thr			
95	100	105	110
TCC ATT GAT GTG CTG TGC GTC ACG GCC AGC ATT GAG ACC CTG TGC GTG	567		
Ser Ile Asp Val Leu Cys Val Thr Ala Ser Ile Glu Thr Leu Cys Val			
115	120	125	
ATC GCA GTG GAT CGC TAC TTT GCC ATT ACT TCA CCT TTC AAG TAC CAG	615		
Ile Ala Val Asp Arg Tyr Phe Ala Ile Thr Ser Pro Phe Lys Tyr Gln			
130	135	140	
AGC CTG CTG ACC AAG AAT AAG GCC CGG GTG ATC ATT CTG ATG GTG TGG	663		
Ser Leu Leu Thr Lys Asn Lys Ala Arg Val Ile Ile Leu Met Val Trp			
145	150	155	
ATT GTG TCA GGC CTT ACC TCC TTC TTG CCC ATT CAG ATG CAC TGG TAC	711		
Ile Val Ser Gly Leu Thr Ser Phe Leu Pro Ile Gln Met His Trp Tyr			
160	165	170	
CGG GCC ACC CAC CAG GAA GCC ATC AAC TGC TAT GCC AAT GAG ACC TGC	759		
Arg Ala Thr His Gln Glu Ala Ile Asn Cys Tyr Ala Asn Glu Thr Cys			
175	180	185	190
TGT GAC TTC TTC ACG AAC CAA GCC TAT GCC ATT GCC TCT TCC ATC GTG	807		
Cys Asp Phe Phe Thr Asn Gln Ala Tyr Ala Ile Ala Ser Ser Ile Val			
195	200	205	
TCC TTC TAC GTT CCC CTG GTG ATC ATG GTC TTC GTC TAC TCC AGG GTC	855		
Ser Phe Tyr Val Pro Leu Val Ile Met Val Phe Val Tyr Ser Arg Val			
210	215	220	
TTT CAG GAG GCC AAA AGG CAG CTC CAG AAG ATT GAC AAA TCT GAG GCC	903		
Phe Gln Glu Ala Lys Arg Gln Leu Gln Lys Ile Asp Lys Ser Glu Gly			

225	230	235	
CGC TTC CAT GTC CAG AAC CTT AGC CAG GTG GAG CAG GAT GGG CGG ACC			951
Arg Phe His Val Gln Asn Leu Ser Gln Val Glu Gln Asp Gly Arg Thr			
240	245	250	
GGG CAT GGA CTC CGC AGA TCT TCC AAG TTC TGC TTG AAG GAG CAC AAA			999
Gly His Gly Leu Arg Arg Ser Ser Lys Phe Cys Leu Lys Glu His Lys			
255	260	265	270
GCC CTC AAG ACG TTA GGC ATC ATC ATG GGC ACT TTC ACC CTC TGC TGG			1047
Ala Leu Lys Thr Leu Gly Ile Ile Met Gly Thr Phe Thr Leu Cys Trp			
275	280	285	
CTG CCC TTC TTC ATC GTT AAC ATT GTG CAT GTG ATC CAG GAT AAC CTC			1095
Leu Pro Phe Phe Ile Val Asn Ile Val His Val Ile Gln Asp Asn Leu			
290	295	300	
ATC CGT AAG GAA GTT TAC ATC CTC CTA AAT TGG ATA GGC TAT GTC AAT			1143
Ile Arg Lys Glu Val Tyr Ile Leu Leu Asn Trp Ile Gly Tyr Val Asn			
305	310	315	
TCT GGT TTC AAT CCC CTT ATC TAC TGC CGG AGC CCA GAT TTC AGG ATT			1191
Ser Gly Phe Asn Pro Leu Ile Tyr Cys Arg Ser Pro Asp Phe Arg Ile			
320	325	330	
GCC TTC CAG GAG CTT CTG TGC CTG CGC AGG TCT TCT TTG AAG GCC TAT			1239
Ala Phe Gln Glu Leu Leu Cys Leu Arg Arg Ser Ser Leu Lys Ala Tyr			
335	340	345	350
GGG AAT GGC TAC TCC AGC AAC GGC AAC ACA GGG GAG CAG AGT GGA TAT			1287
Gly Asn Gly Tyr Ser Ser Asn Gly Asn Thr Gly Glu Gln Ser Gly Tyr			
355	360	365	
CAC GTG GAA CAG GAG AAA GAA AAT AAA CTG CTG TGT GAA GAC CTC CCA			1335
His Val Glu Gln Glu Lys Glu Asn Lys Leu Leu Cys Glu Asp Leu Pro			

370 375 380
 GGC ACG GAA GAC TTT GTG GGC CAT CAA GGT ACT GTG CCT AGC GAT AAC 1383
 Gly Thr Glu Asp Phe Val Gly His Gln Gly Thr Val Pro Ser Asp Asn
 385 390 395
 ATT GAT TCA CAA GGG AGG AAT TGT AGT ACA AAT GAC TCA CTG CTG 1428
 Ile Asp Ser Gln Gly Arg Asn Cys Ser Thr Asn Asp Ser Leu Leu
 400 405 410 413
 TAAAGCAGTT TTTCTACTTT TAAAGACCCC CCCCCCCCCA ACAGAACACT AAACAGACTA 1488
 TTAACTTGA GGGTAATAAA CTTAGAATAA AATTGTAAAA ATTGTATAGA GATATGCAGA 1548
 AGGAAGGGCA TCCTTCTGCC TTTTTTATTT TTTTAAGCTG TAAAAAGAGA GAAACTTAT 1608
 TTGAGTGATT ATTTGTTATT TGTACAGTTC AGTTCCTCTT TGCATGGAAT TTGTAAGTTT 1668
 ATGTCTAAAG AGCTTTAGTC CTAGAGGACC TGAGTCTGCT ATATTTTCAT GACTTTTCCA 1728
 TGTATCTACC TCACTATTCA AGTATTAGGG GTAATATATT GCTGCTGGTA ATTTGTATCT 1788
 GAAGGAGATT TTCCTTCCTA CACCCTTGGA CTTGAGGATT TTGAGTATCT CGGACCTTTC 1848
 AGCTGTGAAC ATGGACTCTT CCCCCACTCC TCTTATTTGC TCACACGGGG TATTTTAGGC 1908
 AGGGATTTGA GGAGCAGCTT CAGTTGTTTT CCCGAGCAAA GGTCTAAAGT TTACAGTAAA 1968
 TAAAATGTTT GACCATGAAA AAAAAAAAAA A 1999

(1) 配列番号：4 に関する情報

(i) 配列の特徴：

(A) 配列の長さ：配列の長さ：29

(B) 配列の型：核酸

(C) 鎖の数：一本鎖

(D) トポロジー：直鎖状

(ii) 配列の種類：他の核酸 (合成DNA)

(xi) 配列の記載：配列番号：4

ACACCTGCAG GTGAGGCTTC CAGGCGTCC 29

(1) 配列番号 : 5 に関する情報

(i) 配列の特徴 :

(A) 配列の長さ : 配列の長さ : 30

(B) 配列の型 : 核酸

(C) 鎖の数 : 一本鎖

(D) トポロジー : 直鎖状

(ii) 配列の種類 : 他の核酸 (合成DNA)

(xi) 配列の記載 : 配列番号 : 5

CACAAGCTTG TCTGTTTAGT GTTCTGTTGG 30

(1) 配列番号 : 6 に関する情報

(i) 配列の特徴 :

(A) 配列の長さ : 配列の長さ : 43

(B) 配列の型 : 核酸

(C) 鎖の数 : 二本鎖

(D) トポロジー : 直鎖状

(ii) 配列の種類 : 他の核酸 (合成DNA)

(ix) 特徴 :

(D) 塩基番号1-4 には相補鎖が存在せず、相補鎖には塩基番号43の下流に
4 塩基TCGAが存在する。

(xi) 配列の記載 : 配列番号 : 6

AGCTCCTGCA GCGCGCCGA TATCTCGAGC GGCCGCGGTA CCA 43

(1) 配列番号 : 7 に関する情報

(i) 配列の特徴 :

(A) 配列の長さ : 配列の長さ : 21

(B) 配列の型：核酸

(C) 鎖の数：一本鎖

(D) トポロジー：直鎖状

(ii) 配列の種類：他の核酸 (合成DNA)

(xi) 配列の記載：配列番号：7

GGGAATGGCT ACTCCAGCAA C 21

(1) 配列番号：8 に関する情報

(i) 配列の特徴：

(A) 配列の長さ：配列の長さ：20

(B) 配列の型：核酸

(C) 鎖の数：一本鎖

(D) トポロジー：直鎖状

(ii) 配列の種類：他の核酸 (合成DNA)

(xi) 配列の記載：配列番号：8

CTGCTTTACA GCAGTGAGTC 20

請求の範囲

1. $[^{125}\text{I}]$ シアノピンドロールに対する K_d 値が約 75 pM であり、且つ、実質的に配列表配列番号 1 に示されるアミノ酸配列を有する β_2 -アドレナリン受容体サブタイプ。
2. ヒト由来である請求の範囲 1 の β_2 -アドレナリン受容体サブタイプ。
3. A431 細胞またはヒト心臓由来である請求の範囲 2 の β_2 -アドレナリン受容体サブタイプ。
4. 請求の範囲 1～3 のいずれかの β_2 -アドレナリン受容体サブタイプをコードする塩基配列を有する DNA。
5. 配列表配列番号 2 に示される塩基配列中、少なくとも塩基番号 101 乃至 1345 で示される塩基配列を有する請求の範囲 4 の DNA。
6. 請求の範囲 4 または 5 の DNA を含有する組換えベクター。
7. 請求の範囲 6 の組換えベクターで形質転換された宿主細胞。
8. 宿主細胞が動物細胞である請求の範囲 7 の宿主細胞。
9. 動物細胞が CHO 細胞である請求の範囲 8 の宿主細胞。
10. 請求の範囲 7～9 のいずれかの宿主細胞を培養し、得られる培養物から β_2 -アドレナリン受容体サブタイプを採取することを含む、下記性質を有する β_2 -アドレナリン受容体サブタイプの製造方法：

- (i) [125 I]シアノピンドロールに対するK_d値：約75 pM
- (ii) 実質的に配列表配列番号1に示されるアミノ酸配列を有する。

11. 請求の範囲1～3のいずれかの β_2 -アドレナリン受容体サブタイプを用いる当該 β_2 -アドレナリン受容体サブタイプのアゴニストまたはアンタゴニストのスクリーニング法。

12. 請求の範囲7～9のいずれかの宿主細胞を用いる β_2 -アドレナリン受容体サブタイプのアゴニストまたはアンタゴニストのスクリーニング法。

13. 請求の範囲1～3のいずれかの β_2 -アドレナリン受容体サブタイプを含む当該 β_2 -アドレナリン受容体サブタイプのアゴニストまたはアンタゴニストのスクリーニング用キット。

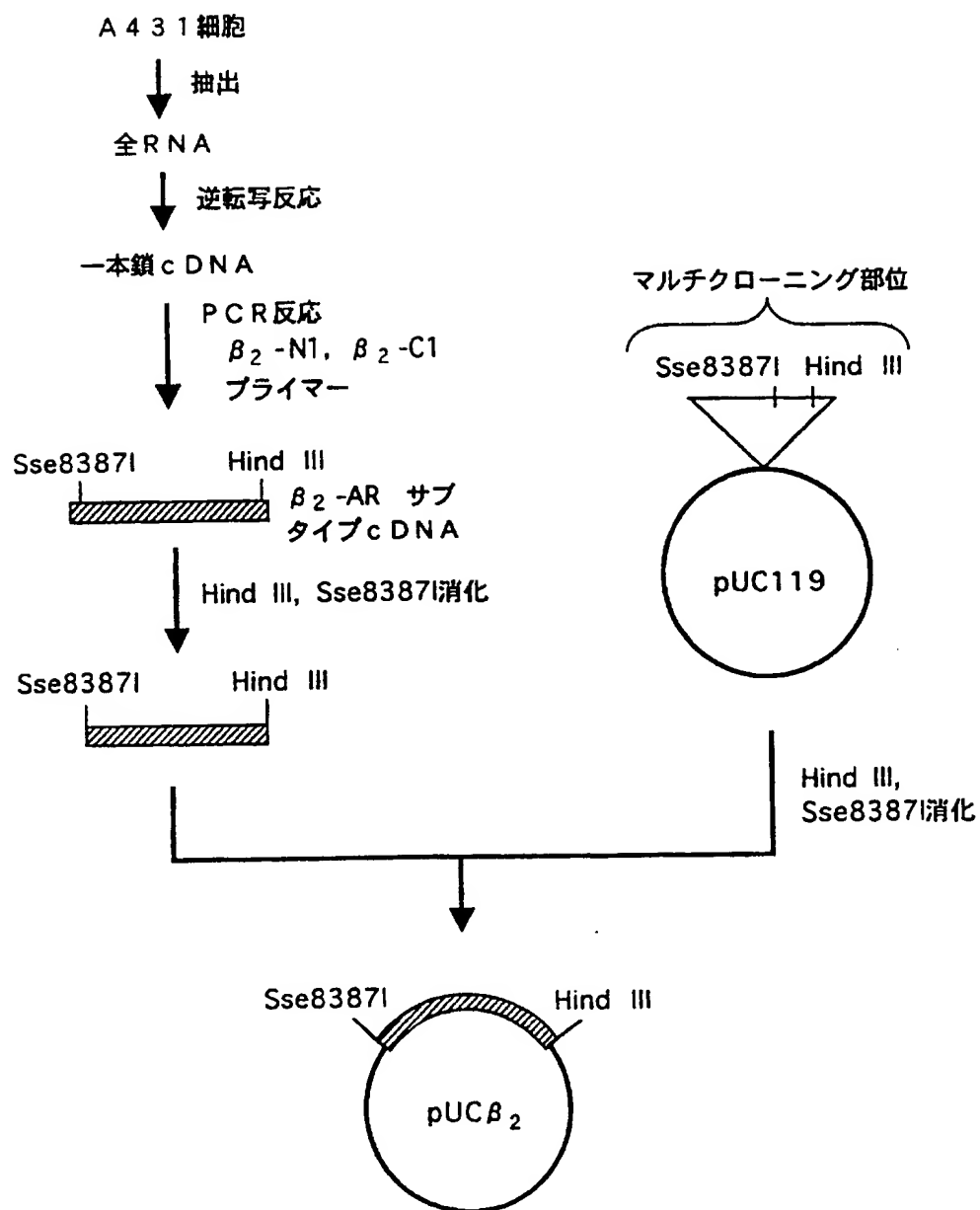
14. 請求項7～9のいずれかの宿主細胞を含む β_2 -アドレナリン受容体サブタイプのアゴニストまたはアンタゴニストのスクリーニング用キット。

15. さらに標識リガンドを含む試薬およびcAMP定量用試薬を含む請求項13または14のスクリーニング用キット。

16. 請求項4または5のDNAの一部または全部を検出することを含む、下記性質を有する β_2 -アドレナリン受容体サブタイプの発現の検定方法：

- (i) [125 I]シアノピンドロールに対するK_d値：約75 pM
- (ii) 実質的に配列表配列番号1に示されるアミノ酸配列を有する。

図 1



 2

-100 TGAGGCTTCAGGGTCCGC -81

C T C CC AGC T
 TTGCGGCGCAGAGCCCGCGGGGCTGCGCGCTGAGGCGCTGCGAACAGTGGCTCACTGCCAGACTGCGCGCC -1
 ATG GGG CAA CCC GGG AAC GGC AGC GCC TTC CTG CTG GCA CCC AAC GGA AGC CAT GCG CCG 60
 Met Gly Gln Pro Gly Asn Gly Ser Ala Phe Leu Leu Ala Pro Asn Gly Ser His Ala Pro 20
 Arg
 C C A T
 GAC CAC GAC GTA ACG CAG GAA CCG GAC GAG GCG TGG GTG GTG GGC ATG GGC ATC GTC ATG 120
 Asp His Asp Val Thr Gln Glu Arg Asp Glu Ala Trp Val Val Gly Met Gly Ile Val Met 40
 Gln Val
 TCT CTC ATC GTC CTG GCC ATC GTG TTT GGC AAT GTG CTG GTC ATC ACA GCC ATT GCC AAG 180
 Ser Leu Ile Val Leu Ala Ile Val Phe Gly Asn Val Leu Val Ile Thr Ala Ile Ala Lys 60
 T C G
 TTC GAG CGT CTG CAG ACG GTC ACC AAC TAC TTC ATC ACT TCA CTG GCC TGT GCT GAC TTA 240
 Phe Glu Arg Leu Gln Thr Val Thr Asn Tyr Phe Ile Thr Ser Leu Ala Cys Ala Asp Leu 80
 C T
 GTC ATG GGC TTG GCA GTG GTG CCC TTT GGG GCC GCC CAT ATT CTC ATG AAA ATG TGG ACT 300
 Val Met Gly Leu Ala Val Val Pro Phe Gly Ala Ala His Ile Leu Met Lys Met Trp Thr 100
 TTT GGC AAC TTC TGG TGC GAG TTT TGG ACT TCC ATT GAT GTG CTG TGC GTC ACG GCC AGC 360
 Phe Gly Asn Phe Trp Cys Glu Phe Trp Thr Ser Ile Asp Val Leu Cys Val Thr Ala Ser 120
 T
 ATT GAG ACC CTG TGC GTG ATC GCA GTG GAT CGC TAC TTT GCC ATT ACT TCA CCC TTC AAG 420
 Ile Glu Thr Leu Cys Val Ile Ala Val Asp Arg Tyr Phe Ala Ile Thr Ser Pro Phe Lys 140
 C T
 TAT CAG AGC CTG CTG ACC AAG AAT AAG GCC CCG GTG ATC ATT CTG ATG GTG TGG ATC GTG 480
 Tyr Gln Ser Leu Leu Thr Lys Asn Lys Ala Arg Val Ile Ile Leu Met Val Trp Ile Val 160
 TCA GGC CTT ACC TCC TTC TTG CCC ATT CAG ATG CAC TGG TAC CCG GCC ACC CAC CAG GAA 540
 Ser Gly Leu Thr Ser Phe Leu Pro Ile Gln Met His Trp Tyr Arg Ala Thr His Gln Glu 180
 T T
 GCC ATC AAC TGC TAC GCC AAG GAG ACC TGC TGT GAC TTC TTC ACG AAC CAA GCC TAT GCC 600
 Ala Ile Asn Cys Tyr Ala Lys Glu Thr Cys Cys Asp Phe Phe Thr Asn Gln Ala Tyr Ala 200
 Asn

3

T
 ATT GCC TCC TCC ATC GTG TCC TTC TAC GTT CCC CTG GTG ATC ATG GTC TTC GTC TAC TCC 660
 Ile Ala Ser Ser Ile Val Ser Phe Tyr Val Pro Leu Val Ile Met Val Phe Val Tyr Ser 220

 AGG GTC TTT CAG GAG GCC AAA AGG CAG CTC CAG AAG ATT GAC AAA TCT GAG GGC CGC TTC 720
 Arg Val Phe Gln Glu Ala Lys Arg Gln Leu Gln Lys Ile Asp Lys Ser Glu Gly Arg Phe 240

 T G
 CAT GCC CAG AAC CTT AGC CAG GTG GAG CAG GAT GCG CGG ACA GCG CAT GGA CTC CGC AGA 780
 His Ala Gln Asn Leu Ser Gln Val Glu Gln Asp Gly Arg Thr Gly His Gly Leu Arg Arg 260
 Val
 G
 TCT TCC AAG TTC TAC TTG AAG GAG CAC AAA GCC CTC AAG AGC TTA GGC ATC ATC ATG GGC 840
 Ser Ser Lys Phe Tyr Leu Lys Glu His Lys Ala Leu Lys Thr Leu Gly Ile Ile Met Gly 280
 Cys
 ACT TTC ACC CTC TGC TGG CTG CCC TTC TTC ATC GTT AAC ATT GTG CAT GTG ATC CAG GAT 900
 Thr Phe Thr Leu Cys Trp Leu Pro Phe Phe Ile Val Asn Ile Val His Val Ile Gln Asp 300

 G A A G
 AAC CTC ATC CCT AAG GAA GTT TAC ATC CTC CTA AAT TGG GTG GGC TAT GTC AAT TCT GCT 960
 Asn Leu Ile Pro Lys Glu Val Tyr Ile Leu Leu Asn Trp Val Gly Tyr Val Asn Ser Ala 320
 Arg Ile Gly
 TTC AAT CCC CTT ATC TAC TGC CGG AGC CCA GAT TTC AGG ATT GCC TTC CAG GAG CTT CTG 1020
 Phe Asn Pro Leu Ile Tyr Cys Arg Ser Pro Asp Phe Arg Ile Ala Phe Gln Glu Leu Leu 340

 C A
 TGT CTG CGC AGG TCT TCT TTG AAG GGC TGT GGG AAT GGC TAC TCC AGC AAC AGC AAT GGC 1080
 Cys Leu Arg Arg Ser Ser Leu Lys Ala Cys Gly Asn Gly Tyr Ser Ser Asn Ser Asn Gly 360
 Tyr
 G
 AAC ACA GGG GAG CAG AGT CGA TAT CAC CTG GAA CAG GAG AAA GAA AAT AAA CTG CTG TGT 1140
 Asn Thr Gly Glu Gln Ser Gly Tyr His Leu Glu Gln Glu Lys Glu Asn Lys Leu Leu Cys 380
 Val
 GAA GAC CTC CCA GGC AGG GAA GAC TTT GTG GGC CAT CAA GGT ACT GTG CCT AGC GAT AAC 1200
 Glu Asp Leu Pro Gly Thr Glu Asp Phe Val Gly His Gln Gly Thr Val Pro Ser Asp Asn 400

 A A
 ATT GAT TCA CCA GCG AGG AGT TGT AGT ACA AAT GAC TCA CTG CTG TAAAGCAGTTTTTCTACTTT 1265
 Ile Asp Ser Pro Gly Arg Ser Cys Ser Thr Asn Asp Ser Leu Leu 415
 Gln Asn
 A C CCC
 TTAAGACACCCCC...CCAACAGAACACTAACAGAC 1300

図 4

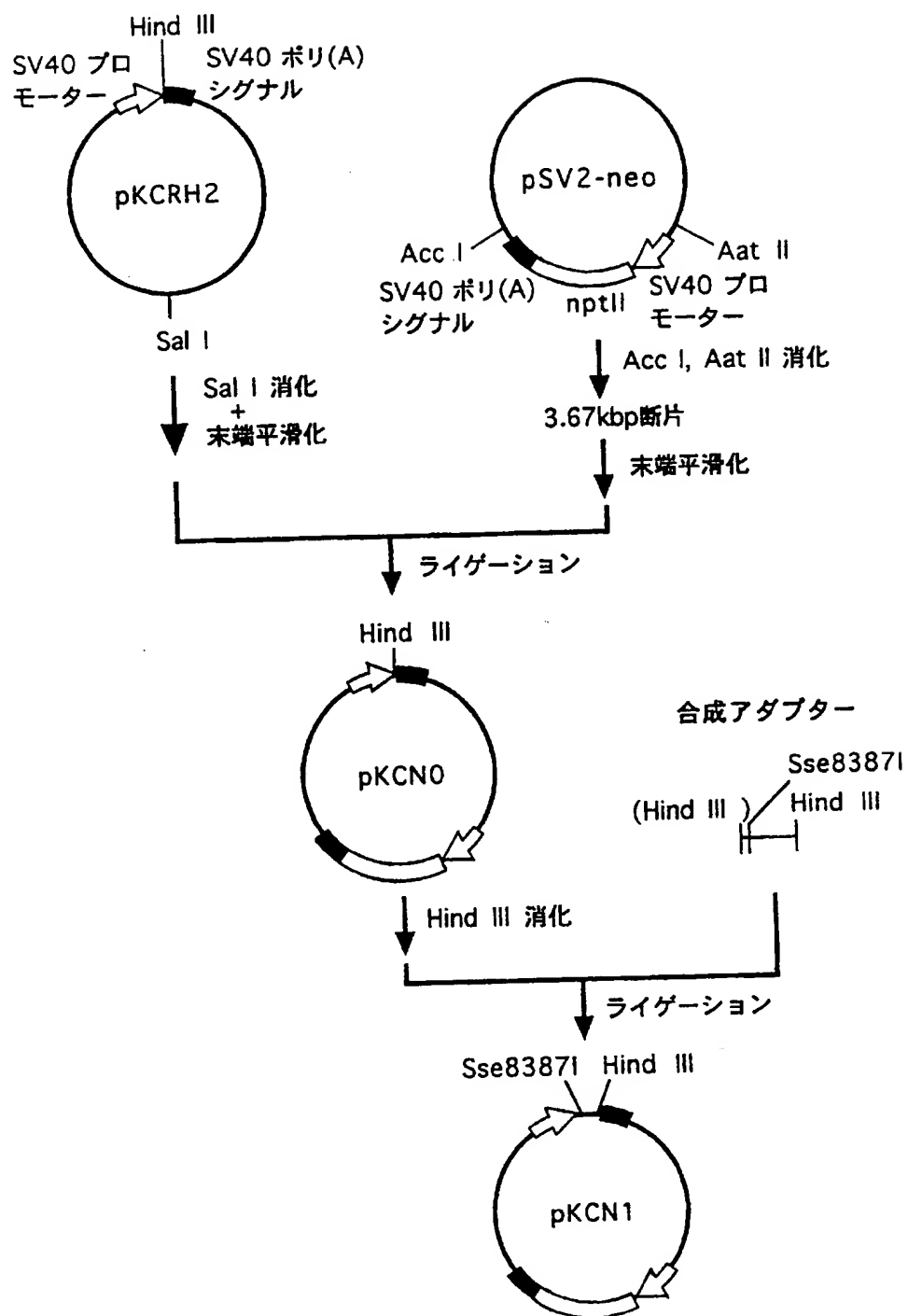


図 5

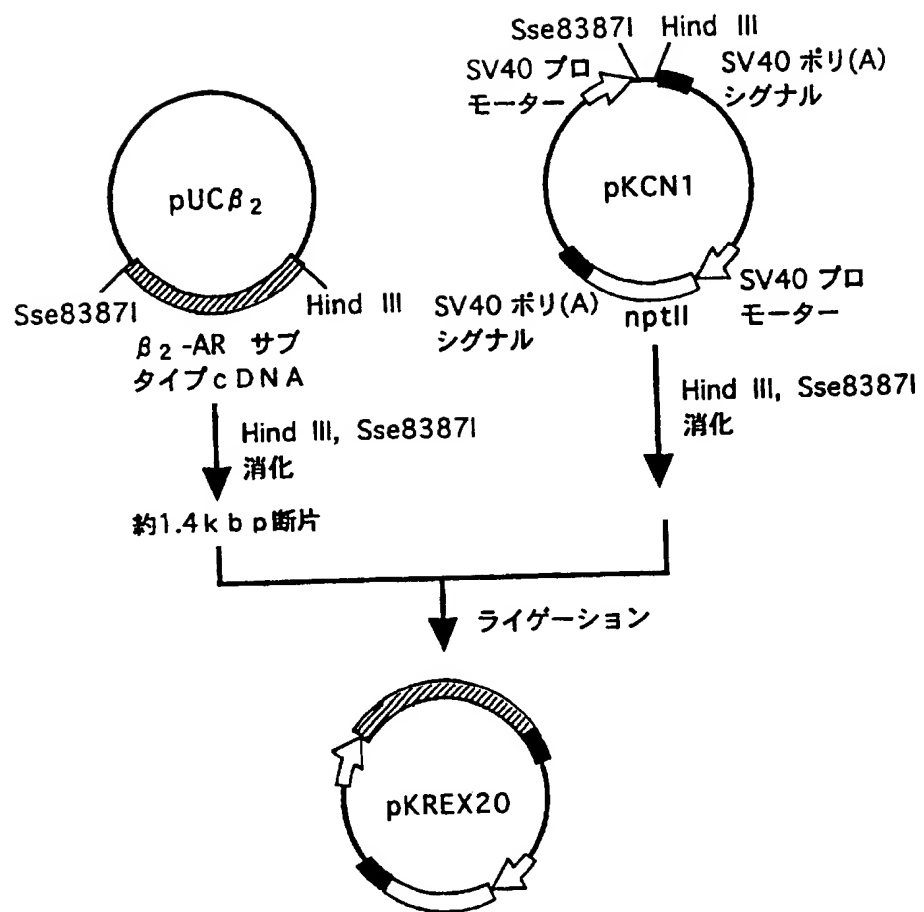


図 6

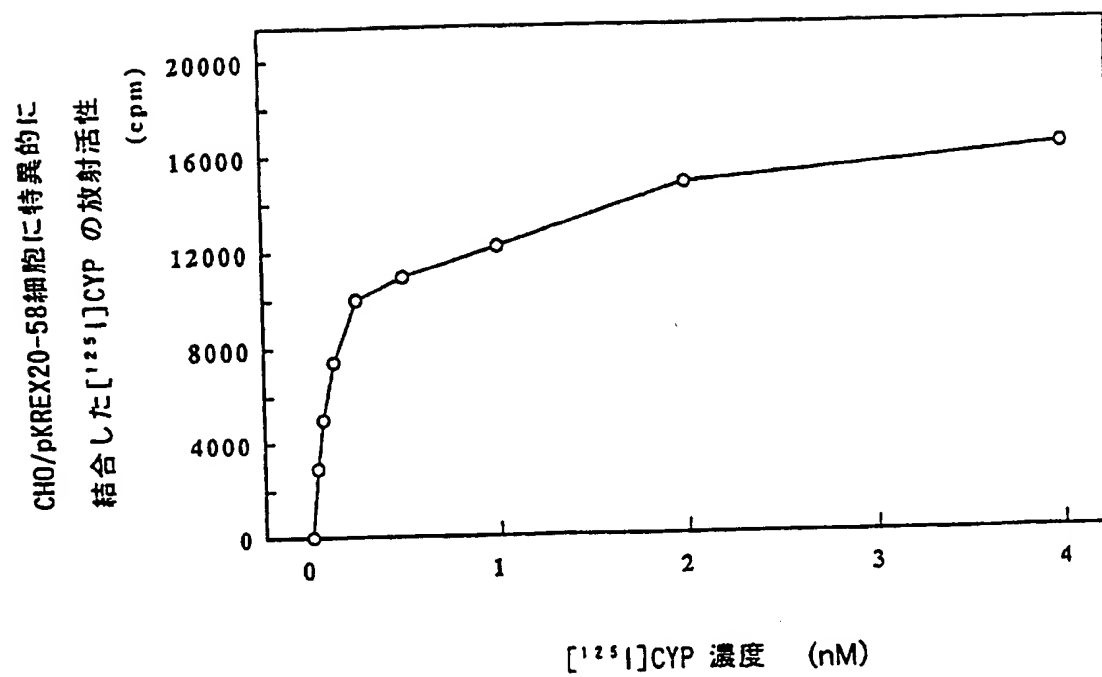


図 7

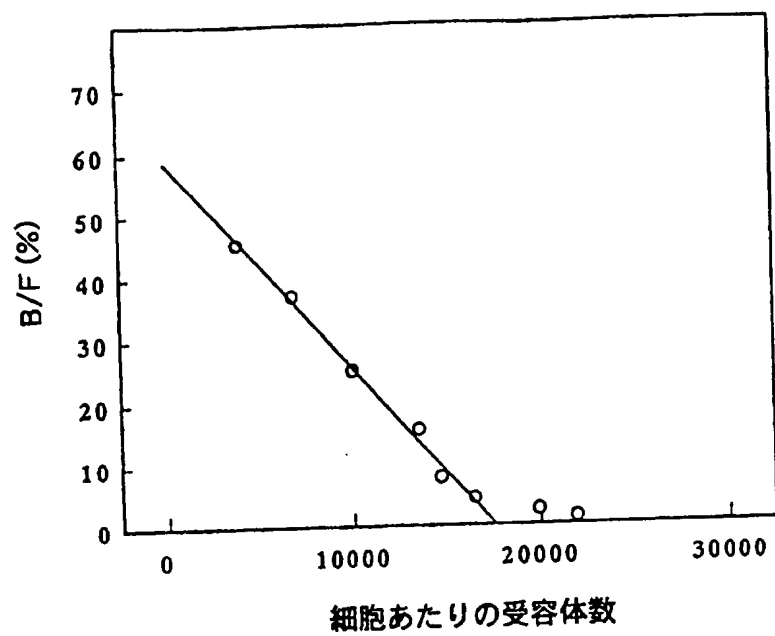


図 8

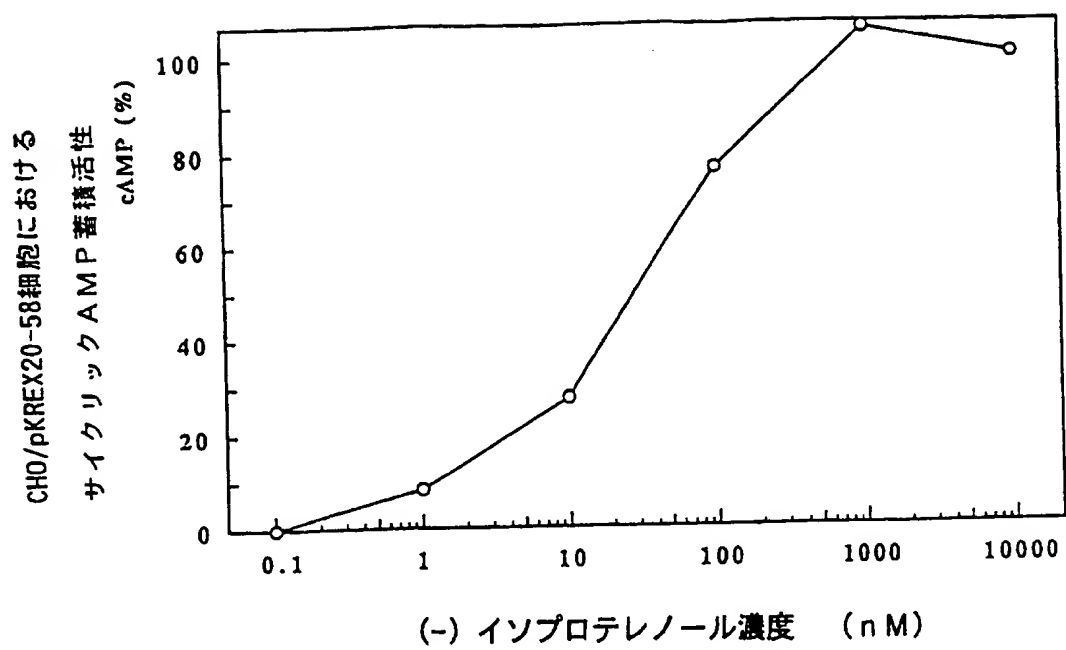
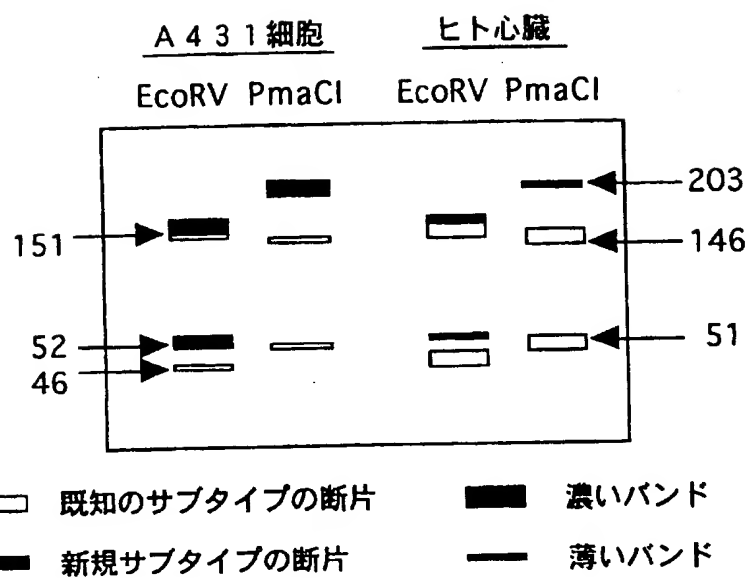
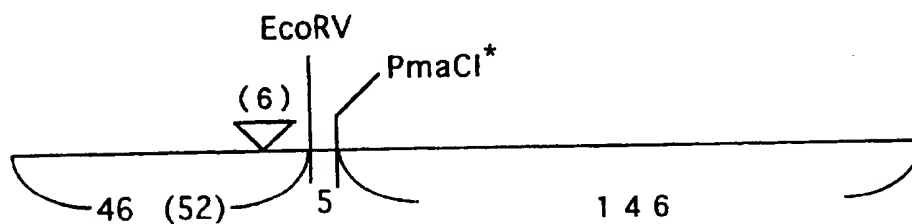


図 9

(a)



(b)



* 新規サブタイプ由来の断片では消失している

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP97/00982

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int. Cl⁶ C12N15/00

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int. Cl⁶ C12N15/00, C12P21/00

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)

BIOSIS, WPI, GENETYX

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	L.J. Emorine et al. "Proc. Natl. Acad. Sci. USA" Vol. 84 (1987) pages 6995 to 6999	1 - 16
Y	Kobilka et al. "Proc. Natl. Acad. Sci. USA" Vol. 84 (1987) pages 46 to 50	1 - 16
Y	M. Rattray et al. "Molecular Brain Research" Vol. 7 (1990) pages 249 to 259	6 - 9
A	B. Feve et al. "The Journal of Biological Chemistry" (1991) Vol. 26, pages 20329 to 20336	1 - 16

☐ Further documents are listed in the continuation of Box C.

☐ See patent family annex.

* Special categories of cited documents:

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier document but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art

"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search
May 29, 1997 (29. 05. 97)

Date of mailing of the international search report
June 10, 1997 (10. 06. 97)

Name and mailing address of the ISA/
Japanese Patent Office
Facsimile No.

Authorized officer
Telephone No.

A. 発明の属する分野の分類 (国際特許分類 (IPC))

Int. Cl.⁹: C12N15/00,

B. 調査を行った分野

調査を行った最小限資料 (国際特許分類 (IPC))

Int. Cl.⁹: C12N15/00, C12P21/00

最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの

国際調査で使用した電子データベース (データベースの名称、調査に使用した用語)

BIOSIS, WPI, GENETYX

C. 関連すると認められる文献

引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
Y	L. J. EMORINE et. al 「PROC. NATL. ACD. SCI. USA」 第84巻(1987) 6995-6999頁	1-16
Y	KOBILKA et. al 「PROC. NATL. ACD. SCI. USA」 第84巻(1987) 46-50頁	1-16
Y	M. RATTRAY et. al 「MOLECULAR BRAIN RESEARCH」 第7巻(1990) 249-259頁	6-9
A	B. FEVE et. al 「THE JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY」 (1991) 第266巻、20329-20336頁	1-16

☐ C欄の続きにも文献が列挙されている。☐ パテントファミリーに関する別紙を参照。

* 引用文献のカテゴリー

- 「A」 特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの
「E」 先行文献ではあるが、国際出願日以後に公表されたもの
「L」 優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献 (理由を付す)
「O」 口頭による開示、使用、展示等に関する文献
「P」 国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願

- の日の後に公表された文献
「T」 国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの
「X」 特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの
「Y」 特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの
「&」 同一パテントファミリー文献

国際調査を完了した日
29.05.97

国際調査報告の発送日 10.06.97

国際調査機関の名称及びあて先
 日本国特許庁 (ISA/JP)
 郵便番号100
 東京都千代田区霞が関三丁目4番3号

特許庁審査官 (権限のある職員)
 藤田 節



4B 8515

電話番号 03-3581-1101 内線 3449